MSGAVLVAIAAAVGNLLQGWDNATIAGAVLYIKKEFNLESNPSVEGLIVAMSLIGATLIT MGGAVWVAIAASIGNLLQGWDNATIAGAVLYIKKEFNLQSEPLIEGLIVAMFLIGATVIT MAGAVLVAIAASIGNLLQGWDNATIAGAVLYIKKEFNLHSDPLIEGLIVAMSLIGATIIT	MSGAALVAIAASIGNLLQGWDNATIAGAVLYIKKEFQLENNPTVEGLIVA	MSGAVLVAIVASIGNLLQGWDNATIAAAVLYIKKEFQLQNEPTVEGLIVSMSLIGATIVT MAGAVLVAIAASIGNLLQGWDNATIAGAVLYIKKEFNLQSEPLIEGLIVAMSLIGATIIT	TCSGGVADWLGRRPMLILSSILYFVGSLVMLWSPNVYVLLLGRLLDGFGVGLVVTLVPIY TSPGPRADCVGRRPMLVASAVLYFVSGLVMLWAPIVYILLLARLIDGFGIGLAVTLVPLY TXS	TCSGPIADWLGRRPMMIISSVLYFLGGLVMLWSPNVYVLCLARLLDGFGIGLAVTLVPVY		TFSGPLSDSIGRRPMLILSSILYFFSGLIMLWSPNVYVLLLARFVDGFGIGLAVTLVPLY TFSGAVADSFGRRPMLIASAVLYFVSGLVMLWAPNVYVLLLARLIDGFGIGLAVTLVPLY
SEQ ID NO:29 SEQ ID NO:4 SEQ ID NO:6 SEQ ID NO:6 SEQ ID NO:8	EQ ID NO: EQ ID NO: EQ ID NO:	EQ ID NO:3	SEQ ID NO:29 SEQ ID NO:2 SEQ ID NO:4 SEQ ID NO:6	EQ ID NO:8 EQ ID NO:1	EQ ID NO:	EQ ID NO:3 EQ ID NO:3

	PDW	FLTVFFLPESPRWLVSKGRMLEAKRVLQRLRGREDVSGEMALLVEGLGIGGETTIEEYII GLTVFYLPESPRWLVSKGRMAEAKRVXQRLRGREDVSXEXALLVEGLGVGKDTRIXEYII 	ALTIFELPESPRWLVSKGRMLEAKKVLQRLRGREDVSGEMALLVEGLGIGGDTSIEEYII DPSR		LRGKDDVS
SEQ ID NO:29 SEQ ID NO:2 SEQ ID NO:4 SEQ ID NO:6 SEQ ID NO:10 SEQ ID NO:11 SEQ ID NO:12 SEQ ID NO:37 SEQ ID NO:2 SEQ ID NO:2 SEQ ID NO:2 SEQ ID NO:6 SEQ ID NO:6 SEQ ID NO:12 SEQ ID NO:12 SEQ ID NO:12 SEQ ID NO:12 SEQ ID NO:14 SEQ ID NO:37 SEQ ID NO:37					

GPADEVTDDHDIAVDKDQIKLYGAEEGLSWVARPVKGGSTMSVLSRHGSTMSRRQG GPATEAADDLVTDGDKEQITLYGPEEGQSWIARPSKGPIMLGSVLSLASRHGS-MVNQSV 	GPADDVADGHEHATEKDKIRLYGSQAGLSWLSKPVTGQSSIGLASHHGS-IINQSM BKDQIKLYGPEQGQSWVARPVAGPNSVGLVSRKGS-MANPS- 		SLIDPLVTLFGSVHEKMPDTGSMRSALFPHFGSMFSVGGNQPRHEDWDEENLVGEGE PLMDPIVTLFGSVHENMPQAGGSMRSTLFPNFGSMFSVTDQHAKNEQWDEENLHRDDE 	PLMDPLVTLFGSIHEKLPETGARGSMRSTLFPNFGSMFSTAEPHAKIEQWDEESLQRERE SLVDPLVTLFGSVHEKLPETGSTLFPHFGSMFSVGGNQPRNEDWDEESLAREGD	
NO:29 NO:2 NO:4 NO:6	NO:8 NO:10 NO:12 NO:14	NO:16 NO:32 NO:37	NO:29 NO:2 NO:4	NO:6 NO:8 NO:10 NO:12	NO:14 NO:16 NO:32
S S S S S S S S S S S S S S S S S S S	SEQ SEQ SEQ	SEQ SEQ SEQ	SEQ SEQ SEQ	SEQ SEQ SEQ SEQ	SEQ SEQ SEQ

DYPSDH-GDDSEDDLHSPLISRQTTSME-KDMPHTAHGTLSTFRHGSQVQGAQGEGAG EYASDGAGGDYEDNLHSPLLSRQATGAEGKDIVHHGHRGSALS-MRRQSLL-GEGGDGVS	EYASDGAGGDYEDNLHSPLLSRQATGAEGKDIVHHGHRGSALS-MRRQTLL-GEGGDGVS DYGSDHGGDDIEDSLQSPLISRQATSVEGKEIAAPHGSIMGAVGRSSSL-MQGGEAVS	GIGGGWQVAWKWTE DIGGGWQLAWKWSE	STGIGGGWQLAWKWTDK-GEDGKQQGGFKRIYLHEEGVSASRRGSIVSIPGEGSTGIGGGWQLAWKWSEREGPDGKKEGGFKRIYLHEEGVSASRRGSIVSIPGEG	DGKKEGGFKRIYLHQEGVADS	NGRKEGGFKRVYLHQ DGEKEGGFQRIYLHE
TD NO:	ID NO:32 ID NO:37	ID NO:29 ID NO:2 ID NO:4	ID NO:10 ID NO:10 ID NO:12	ID NO:14 ID NO:16	ID NO:32 ID NO:37
SE S S S S S S S S S S S S S S S S S S	SEQ SEQ	SEQ SEQ SEQ	SEQ SEQ SEQ	SEQ SEQ	SEQ

DFVQASALVSQPALYSKDLLKEH-TIGPAMVHPSETT-KGSIWHDLHDPGVKRALVVGVG EFVHAAALVSQSALFSKGLAEPRMS-DAAMVHPSEVAAKGSRWKDLFEPGVRRALLVGVG	EVVQAAALVSQPALYNEDLMRQR-PVGPAMIHPSETIAKGPSWSDLFEPGVKHALIVGVG	EFVHAAALVSQSALFSKGLAEPRMS-DAAMVHPSEVAAKGSRWKDLFEPGVRRALLVGIG EFVQAAALVSQPALYSKELMEQRLA-GPAMVHPSQAVAKGPKWADLFEPGVKHALFVGIG	LQILQQFSGINGVLYYTPQILEQAGVGILLSNMGISSSSASLLISALTTFVMLPAIAVAM IQILQQFAGINGVLYYTPQILEQAGVAVILSKFGLSSASASILISSLTTLLMLPCIGFAM 	IQILQQFSGINGVLYYTPQILEEAGVEVLLSDIGIGSESASFLISAFTTFLMLPCIGVAM MQILQQFSGINGVLYYTPQILEQAGVGYLLSSLGLGSTSSSFLISAVTTLLMLPCIAIAM 	IQMLQQFAGINGVLYYTPQILEQAGVAVLLSNLGLSSASASILISSLTTLLMLPSIGVAM LQILQQFAGINGVLYYTPQILEQAGVGVLLSNIGLSSSSASILISALTTLLMLPSIGIAM IQILQQFAGINGVLYYTPQILEQAGVAVILSKFGLSSASSASILISSLTTLLMLPCIGFAM IQILQQFAGINGVLYYTPQILEQAGVGVLLANIGLSSSSASILISGITTLLMLPSIGIAM
••• •• •• ••	ID NO: ID NO: ID NO: ID NO:	ID NO:3	SEQ ID NO:29 SEQ ID NO:2 SEQ ID NO:4 SEQ ID NO:6	ID NO:8 ID NO:1 ID NO:1	ID NO: ID NO: ID NO: ID NO:

RLMDLSGRRTLLLTTIPILIASLLVLVISNLVHMNSIVHAVLSTVSVVLYFCFFVMGFGP LLMDLSGRRFLLLGTIPILIASLVILVVSNLIDLGTLAHALLSTISVIVYFCCFVMGFGP	RIMDISGRRFILLGTIPILIASLIVLGVVNVINLSTVPHAVLSTVSVIVYFCCFVMGFGP RLMDMSGRRFLLLSTIPVLIVALAVLVLVNVLDVGTMVHAALSTISVIVYFCFFVMGFGP LLMDLSGRRFLLLGTIPILIASLVILVVSNLIDLGTLAHALLSTVSVIVYFCCFVMGFGP RLMDMSGRRFLLLATIPILIVALAILILVNILDVGTMVHASLSTVSVILYFCFFVMGFGP	APNILCSEIFPTRVRGICIAICALTFWICDIIVTYSLPVLLKSIGLAGVFGMYAIVCCIS IPNILCAEIFPTRVRGLCIAICAFTFWIGDIIVTYSLPVMLNAIGLAGVFSIYAVVCLIS	IPNILCAEIFPTRVRGVCIAICALTFWICDIIVTYSLPVMLNAIGLAGVFGIYAVVCCIA IPNILCAEIFPTSVRGICIAICALTFWIGDIIVTYTLPVMLNAIGLAGVFGIYAVVCCIA IPNILCAEIFPTRVRGICIAICAFTFWIGDIIVTYSLPVMLNAIGLAGVFSIYAVVCLIS IPNILCAEIFPTRVRGICIAICAFTFWIGDIIVTYSLPVMLNAIGLAGVFSIYAVVCILA
SEQ ID NO:29 SEQ ID NO:2 SEQ ID NO:4 SEQ ID NO:6 SEQ ID NO:8 SEQ ID NO:10 SEQ ID NO:10		004001	

EA	ELFVFMKVPETKGMPLEVITEFFSVGAKQ-AKED	WVFVFLKVPETKGMPLEVIIEFFSVGAKQFDDAKHN	FVFVYLKVPETKGMPLEVITEFFAVGAKQ-AQATIA	FVFVFLKVPETKGMPLEVITEFFRVGAKQ-AAAK-A
AA	WIFVFLKVPETKGMPLEVISFFSVGAKOAASAKNF		FVFVYMKVPETKGMPLEVITEFFSVGAKO-GKFAUD	FLFVFMKVPETKGMPLEVITEFFSVGAKQ-AKED
SEQ ID NO:29 SEQ ID NO:2	NO: 6	NO:10	NO:14	NO:32
	NO: 8	NO:12	NO:16	NO:37
di di		ID		ID IID
SEQ	SEQ SEQ	SEQ	SEQ	SEQ

MSE		VMSGAIIYLKEDWHISDTQIGVLVGILNIYCLFGSFAAGRTSDWIGRRYTIVLAGA VMSGASLYIKKDLKISDVKLEILMGILNVYSLIGSXAAGRTSDWIGRRXTIVFAAV VMSGAAMYIKKDLNITDVQLEILIGILSLYSLFGSFAGARTSDRIGRRLTVVFAAV VMSGASLYIKKDFNISDGKVEVLMGILNLYSLIGSFAAGRTSDWIGRRYTIVFAAV VMSGASLYIKKDLKVSDEQIEILLGIINLYSLIGSFAAGRTSDWIGRRYTIVFAGT VMSGASLYIKRDLKINDTQLEVLMGILNVYSLIGSFAAGRTSDWIGRRFTIVFAAV VMSGASLYIKRDLQITDVQLEVLMGILNVYSLIGSFAGGRTSDWVGRRVTVVFAAA FSSPTQDAIISDLGITISEFSLFGSLSNVGAMVGAIASGQMAEYIGRKGSLMIAAI
SEQ ID NO:30 SEQ ID NO:18 SEQ ID NO:20 SEQ ID NO:24 SEQ ID NO:26 SEQ ID NO:28 SEQ ID NO:38 SEQ ID NO:38	SEQ ID NO:30 SEQ ID NO:18 SEQ ID NO:22 SEQ ID NO:22 SEQ ID NO:24 SEQ ID NO:28 SEQ ID NO:38 SEQ ID NO:38	SEQ ID NO:30 SEQ ID NO:18 SEQ ID NO:22 SEQ ID NO:22 SEQ ID NO:26 SEQ ID NO:28 SEQ ID NO:38

1 FFVGALLIMGFATNYAFLIMVGRFVTGIGVGYALMIAPVYTAEVSPASSRGFLTSFPEVFT 1 FFAGAXLMGFAVNYWMLMFGRFVAGIGVGYALMIATVYTAEVSPXSARGFLTSFPEVFT 2 IFFVGSLLMGFAVNYGMLMAGRFVAGVGYGGMIAPVYTAEISPAASRGFLTTFPEVFT 3 IFFVGALLIMGFAVNYAMLMFGRFVAGIGVGYALMIAPVYTAEVSPASARGFLTSFPEVFT 4 IFFVGALLIMGFSPNYSFLMFGRFVAGIGVGYALMIAPVYTAEVSPASSRGFLTSFPEVFT 5 IFFAGALIMGFSVNYAMLMFGRFVAGIGVGYALMIAPVYTAEVSPASARGFLTSFPEVFT 6 IFFNGSLLMGFSVNYAMLMVGRFVTGIGVGYALMVAPVYTAEVSPASARGFLTSFTEVFT 7 IFNNGSLLMGFAVNYAMLMVGRFVTGIGVGYALMVAPVYTAEIAPQTMRGALGSVNQLSV 7 PNIIGWLAISFAKDASFLYMGRLLEGFGVGIISYTVPVYIAEIAPQTMRGALGSVNQLSV	NAGILLGYISNLAFSSLPTHLSWRFMLGIGAIPSIFLAIGVLAMPESPRWLVMQGRLGDA	NIGILLGYLSNFAFARLPLHLGWRVMLAIGAVPSGLLALLVFCMPESPRWLVLKGRLADA NFGILLGYVSNYAFSRLPLHLGWRVMLAIGAAPSVLLALLVFCMPESPRWLVLKGRLADA NGGILIGYISNYAFSKLTLKVGWRMMLGVGAIPSVLLTVGVLAMPESPRWLVMRGRLGEA NFGILLGYVSNFAFARLSLRLGWRIMLGIGAVPSVLLAFWVLGMPESPRWLVMKGRLADA NVGILLGYVSNYAFARLPLHLSWRVMLGIGAVPSALLALMVFGMPESPRWLVMKGRLADA TIGILLAYLLGMFVPWRLLSVLGILPCSILIPGLFFIPESPRWLAKMGKMEDF	KKVLNRISDSPEEAQLRLSEIKQTAGIPAECDEDIYKVEKTKIKSGNA-VWKELFFNPTP	PKGLDGDVVTV PEELDGDVVTV PESCNDDVVQVI PLGLDGDVVPVI PRELDGDVVVMI
SEQ ID NO:30 SEQ ID NO:18 SEQ ID NO:22 SEQ ID NO:24 SEQ ID NO:28 SEQ ID NO:38 SEQ ID NO:38 SEQ ID NO:38	EQ ID NO: 1	000000	EQ ID NO:3 EQ ID NO:1	SEQ ID NO:20 SEQ ID NO:22 SEQ ID NO:24 SEQ ID NO:26 SEQ ID NO:38 SEQ ID NO:38

Docket No: BB1163USCIP
Title: Plant Sugar Transport Proteins
Inventor: Timothy G. Helentjaris
Appl. No.: Unknown
E.I. DuPont de Nemours

10/11

FIGURE 2C

AVRRAVIAGIGIHFFQQASGIDAVVLYSPRIFQSAGITNARKQLLATVAVGVVKTLFILV	AVRRILLSAVGLHFFQQASGSDSVVQYSARLFKSAGITDDNKLLGVTCAVGVTKTFFILV AMRRILLSGIGIHFFQHALGIHSVVFYSPLVFKSPGLTNDKHFLGTTWPFGVTKRLFILL AIRHIVIAALGIHFFQQASGVDAVVLYSPRIFEKAGITNDTHKLLATVAVGFVKTVFILA AMRHILIAGIGIHFFQQSSGIDAVVLYSPLVFKSAGITGDSRLRGTTVAVGATNTVFILV AMRHILLAALGIHFFQQATGSDSVVLYSPRVFQSAGITGDNHLLGATCAMGVMKTLFILV RYSVPLMVGIGLLVLQQLSGVNGILFYAASIFKAAGLTNSNLATFGLGVVQVVATGV	RRPLLLTSVGGMIIAILTLAMSLTVID-HSHHKI	ATFLIDRAGRRPLLISTGGMIVSLICLGSGLTVAGHHPDTKVAWAVALCIASTLSYI ATFFIDGVGRRPLLLGSTGGIILSLIGLGAGLTVVGQHPDAKIPWAIGLSIASTLAYV	ATFLIDRIRRRPLVLTSTGGMLVSLVGLATGLTVISRHPDEKITWAICISSIAMVLAIV ATFOLDRVGRRPILLTSTAGMLACI.TGLGTGLTVVGRHPDAKVPWAICICTURSTAGMLA	TTWLTDKAGRRLLLIISTTGMTITLVVVSVSFFVKDNITNGSHLYSVMSMLSLVGLVALLAIV TTWLLDRAGRRILLIISTSGMTLCLLAVSVVFFLKDNISQDSNSYYILTMISLVGIVSFV	LSHKITTGG	AFFSIGLGPITGVYTSEIFPLQVRALGFAVGVASNRVTSAVISMTFLSLSKAITIGGSFF	AFFSIGLGPITWVYSSEIFPLQVRALGCSLGVAANRVTSGVISMTFLSLSKAITIGGSFF ATFSIGAGPITWVYSSEIFPLRLRAOGAAAGVAVNRTTSAVVSMTFLSLERATTGGAFF	AFFSIGLGPITWVYSSEIFPLHVRALGCSLGVAVNRLTSGVISMTFISISKAMTIGGAFF	SFFSIGLGPLTSVYTSEVFPLRVRALGFALGTSCNRVTSAAVSMSFLSLSKAITIGGSFF	ISFSLGLGAIPWIIMSEILPVNIKSLAGSVATLANWLTAWLITMT-ASLMLSWSNGGTFA	ITFSFGMGAIPWLMMSEILPVSIKSLGGSIATLANWLTSFAITMT-TNI,MLTWSVGGTFT
EQ ID NO:3		EQ ID NO:3		EQ ID NO:2 EQ ID NO:2	EQ ID NO:3 EQ ID NO:3	EQ ID NO:3	EQ ID NO:2	SEQ ID NO:22 SEQ ID NO:24	EQ ID NO:2	EQ ID NO:2	EQ ID NO:3	EQ ID NO:3

11/11

FIGURE 2D

LFGGIAIIAWFFFLTFLPETRGR-TLENMHELFEDFRWRESFPGNKSNNDENSTRKQSNG LYSGIAAVAWVFFFTCLPETRGR-TLEEMGKLFGMPDTGMAEEAED LYSGIAALAWVFFYTYLPETRGR-TLEEMSKLFGDTAAASESDEPA LYCGIATVGWIFFYTYLPETRGR-TLEDMEGSFGTFRSKSNASKAVENENG LFAGIASFAWVFFFAYLPETRGR-TLEDMSSLFGNTATHKQGAAEA LYAGIAAIGWIFFFTFIPETRGL-PLEEIGKLFGMTDTAVEAQDTA IYAAVCAGTLVFVCLWVPETKGR-TLEEI - AFTDTAVEAQDTA SYMVVSAFTIVFVVLWVPETKGXNSRGDTIFVSLSIQRQLQ	NDKSQVQLGETTTSTTVTNDNHTS A-AAKEKVVELPSSK KEKKKVEMAATNQVAQVQLGTNVQT DDDAGEKKVEMAATN T-KDKAKVGEMN T-KDKAKVGEMN
SEQ ID NO:30	SEQ ID NO:30
SEQ ID NO:18	SEQ ID NO:18
SEQ ID NO:22	SEQ ID NO:20
SEQ ID NO:22	SEQ ID NO:24
SEQ ID NO:24	SEQ ID NO:26
SEQ ID NO:28	SEQ ID NO:28
SEQ ID NO:38	SEQ ID NO:38
SEQ ID NO:38	SEQ ID NO:38